

110 115 120

Phe Phe Glu Leu	Ile Leu Asp Asn Met	Gly Glu Gln Ala Gln Glu	
	125	130	135
Gln Glu Asp Trp	Lys Lys Tyr Ile Thr	Gly Thr Asp Ile Leu Asp	
	140	145	150
Met Lys Leu Glu	Asp Ile Leu Glu Ser	Ile Asn Ser Ile Lys Ser	
	155	160	165
Arg Leu Ser Lys	Ser Gly His Ile Gln	Ile Leu Leu Arg Ala Phe	
	170	175	180
Glu Ala Arg Asp	Arg Asn Ile Gln Glu	Ser Asn Phe Asp Arg Val	
	185	190	195
Asn Phe Trp Ser	Met Val Asn Leu Val	Val Met Val Val Val Ser	
	200	205	210
Ala Ile Gln Val	Tyr Met Leu Lys Ser	Leu Phe Glu Asp Lys Arg	
	215	220	225
Lys Ser Arg Thr			

<210> 448
<211> 23
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic oligonucleotide probe

<400> 448
cccagcaggg ctgggcgaca aga 23

<210> 449
<211> 23
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic oligonucleotide probe

<400> 449
gtcttccagt ttcatatcca ata 23

<210> 450
<211> 43
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Synthetic oligonucleotide probe

<400> 450
ccagaaggag cacggggaag ggcagccaga tcttgtcgcc cat 43

<210> 451
 <211> 859
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<400> 451
 ccatccctga gatcttttta taaaaaaccc agtctttgct gaccagacaa 50
 agcataccag atctcaccag agagtcgcag acactatgct gcctcccatg 100
 gccctgcccc gtgtgtcctg gatgctgctt tcctgcctca ttctcctgtg 150
 tcaggttcaa ggtgaagaaa ccagaagga actgccctct ccacggatca 200
 gctgtcccaa aggctccaag gcctatggct cccctgcta tgccttgttt 250
 ttgtcaccaa aatcctggat ggatgcagat ctggcttgcc agaagcggcc 300
 ctctggaaaa ctggtgtctg tgctcagtgg ggctgaggga tccttcgtgt 350
 cctccctggg gaggagcatt agtaacagct actcatacat ctggattggg 400
 ctccatgacc ccacacaggg ctctgagcct gatggagatg gatgggagtg 450
 gtagtagcact gatgtgatga attactttgc atgggagaaa aatccctcca 500
 ccatcttaaa ccctggccac tgtgggagcc tgtcaagaag cacaggattt 550
 ctgaagtgga aagattataa ctgtgatgca aagttaccct atgtctgcaa 600
 gttcaaggac tagggcaggt ggaagtcag cagcctcagc ttggcgtgca 650
 gctcatcatg gacatgagac cagtgtgaag actcaccctg gaagagaata 700
 ttctcccaa actgccctac ctgactacct tgtcatgatc ctcttctttt 750
 ttcttttttc ttaccttca ttccaggctt ttctctgtct tccatgtctt 800
 gagatctcag agaataataa taaaaatgtt actttataaa aaaaaaaaaa 850
 aaaaaaaaaa 859

<210> 452
 <211> 175
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 452
 Met Leu Pro Pro Met Ala Leu Pro Ser Val Ser Trp Met Leu Leu
 1 5 10 15
 Ser Cys Leu Ile Leu Leu Cys Gln Val Gln Gly Glu Glu Thr Gln
 20 25 30
 Lys Glu Leu Pro Ser Pro Arg Ile Ser Cys Pro Lys Gly Ser Lys
 35 40 45
 Ala Tyr Gly Ser Pro Cys Tyr Ala Leu Phe Leu Ser Pro Lys Ser

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84
85
86
87
88
89
90
91
92
93
94
95
96
97
98
99
100
101
102
103
104
105
106
107
108
109
110
111
112
113
114
115
116
117
118
119
120
121
122
123
124
125
126
127
128
129
130
131
132
133
134
135
136
137
138
139
140
141
142
143
144
145
146
147
148
149
150
151
152
153
154
155
156
157
158
159
160
161
162
163
164
165
166
167
168
169
170
171
172
173
174
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
995
996
997
998
999
1000

	50		55		60
Trp Met Asp Ala Asp	Leu Ala Cys Gln Lys Arg Pro Ser Gly Lys				
	65		70		75
Leu Val Ser Val Leu	Ser Gly Ala Glu Gly Ser Phe Val Ser Ser				
	80		85		90
Leu Val Arg Ser Ile	Ser Asn Ser Tyr Ser Tyr Ile Trp Ile Gly				
	95		100		105
Leu His Asp Pro Thr	Gln Gly Ser Glu Pro Asp Gly Asp Gly Trp				
	110		115		120
Glu Trp Ser Ser Thr	Asp Val Met Asn Tyr Phe Ala Trp Glu Lys				
	125		130		135
Asn Pro Ser Thr Ile	Leu Asn Pro Gly His Cys Gly Ser Leu Ser				
	140		145		150
Arg Ser Thr Gly Phe	Leu Lys Trp Lys Asp Tyr Asn Cys Asp Ala				
	155		160		165
Lys Leu Pro Tyr Val	Cys Lys Phe Lys Asp				
	170		175		

<210> 453
<211> 550
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 453
ccagtctgtc gccacctcac ttggtgtctg ctgtccccgc caggcaagcc 50
tggggtgaga gcacagagga gtgggccggg accatgcggg ggacgcggct 100
ggcgctcctg gcgctggtgc tggctgcctg cggagagctg gcgccggccc 150
tgcgctgcta cgtctgtccg gagcccacag gagtgtcggg ctgtgtcacc 200
atcgccacct gcaccaccaa cgaaaccatg tgcaagacca cactctactc 250
ccgggagata gtgtaccctt tccaggggga ctccacgggtg accaagtcct 300
gtgccagcaa gtgtaagccc tcggatgtgg atggcatcgg ccagaccctg 350
cccgtgtcct gctgcaatac tgagctgtgc aatgtagacg gggcgccgcg 400
tctgaacagc ctocactgcg gggccctcac gtcctccca ctcttgagcc 450
tccgactgta gagtccccgc ccacccccat ggccctatgc ggcccagccc 500
cgaatgcctt gaagaagtgc cccctgcacc aggaaaaaaaa aaaaaaaaaa 550

<210> 454
<211> 125
<212> PRT
<213> Homo sapiens